

法政大学学術機関リポジトリ
HOSEI UNIVERSITY REPOSITORY

実用化に向けた植物病害自動診断システムの試み

著者	藤田 恵梨香
出版者	法政大学大学院理工学研究科
雑誌名	法政大学大学院紀要．理工学・工学研究科編
巻	59
ページ	1-6
発行年	2018-03-31
URL	http://doi.org/10.15002/00021595

実用化に向けた植物病害自動診断システムの試み

AUTOMATED PLANT DIAGNOSIS SYSTEM USING IN-FIELD LEAF IMAGES FOR APPLICATION

藤田恵梨香

Erika FUJITA

指導教員 彌富仁

法政大学大学院理工学研究科応用情報工学専攻修士課程

An accurate, easy and low-cost automated diagnosis system for plant diseases have been called. In this paper, we develop an accurate and practical automated plant diagnosis system using transfer learning. We use a total 9,000 original in-field cucumber leaf images (seven typical viral diseases, Downy mildew, and healthy) including initial symptoms in this experiment and classify them in each class; namely nine class classification. We also visualize the key regions to be the basis of the diagnosis for Downy mildew. Our system attains high score in average accuracy under the 10-fold cross validation and we confirmed that our system captures important feature for diagnosis Downy mildew appropriately.

Key Words : deep learning, computer vision, plant disease

1. 背景

植物病害による多額の被害が全国で報告されている[1, 2]. 植物病害は農作物の商品価値の低下や収穫量の低減などをもたらすため、生産者および消費者の経済的被害を引き起こす。特に農業の盛んな日本においてはウイルス性植物病害のみにおいても、年間被害試算額は1,000億円にのぼると報告されている[2]. 植物病害による被害を最小限に抑えるためには、病害株の早期発見を行い、対象に対して農薬の散布や病害株の除去など、適切な処置が必要とされる。しかしながら、現在の植物病害の診断は専門家や長年経験のある農家の目視による観察、または必要に応じて専門機関での遺伝子検査により行われており、人的、金銭的、時間的コストを要する。生産コストのロスを最小に抑えるために早期発見が求められる一方で、現在の診断方法では特に経験の浅く専門知識のない生産者にとっては早期発見が困難である。このような背景から、農業の分野では専門知識のない生産者でも安価で簡単に植物病害の診断が可能な、植物病害自動診断システムが求められてきた。今までにも、さまざまな機械学習手法を用いたシステムが提案されている[3-5]. 例えば、Yao ら [3] は稲の病害診断に support vector machines (SVM) を用いることで正解率 92.7% を達成した。また、Bashish ら [4] は、茎や葉の情報をもとに neural networks (NN) によって 5 種の病害と健全の診断をし、約 93% の精度を達成した。Pujari ら [5] は NN を用いた fungal diseases の診断において正解率 87.8% を達成した。これらのシステムは、従来の機械学習手法に立

脚しており、システム構築者が識別に有効な特徴量を手動で設計しなければいけないという手間や、特徴量抽出のための領域分割や注目領域の抽出など様々な困難が伴っていた。

これらの問題および手間を大幅に低減する深層学習手法を用いた植物病害自動診断システムも提案されている[6-8]. 例えば Mohanty ら [6] は植物病害のデータセットである Plant Village [9] データセットに対する識別問題に対して convolutional neural networks (CNNs) を用いて識別器を構築し、最大 F 値 99.35% を達成した。この Plant Village のデータは多くの植物病害を含んでいるものの、当時のデータセットは切り取られた葉の画像のみが用いられ、背景が限定されているため、農場で撮影された葉の画像とは大きく異なる。実際に学習画像と背景の異なる画像を用いて識別した際の識別精度は 31% 程度であったことも同上の論文にて報告されている。したがって、Mohanty らの構築したシステムにおいても、現時点で農場において汎用的に使用できるとはいえない。

一方で、実環境データを用いた植物病害診断システムも提案されている[7-8]. Lu ら [7] は、麦のデータセットである WDD2017 データセット (計 9,230 枚 7 クラス) に対して、fully convolution network [10] を用いて解析し識別率最大 97.95% を達成すると共に、病変部位の提示も可能にしている。Fuenates [8] らは、トマトのオリジナル画像 5,000 枚 (10 クラス) に対して faster region-based CNN (Faster R-CNN) [11] など近年提案された 3 種の物体領域検出手法を、VGGnet [12] 等と組み合わせ、病害の検出と識別を同時に行い、上記の組み合わせにおいて最大

meanAP=0.8306 と良好な成果を示している。Fuenates らの手法は、複数の葉が映り込んでいるような場面でも良好な結果が得られており、実用面でも大変効果的な手法であると考えられる。

本研究では、実環境でのシステム応用を想定し、圃場で実際に撮影される葉の画像に対して、高い識別能の達成を目指す。また、医療や農業の分野での診断システムの実用化を目指すにあたっては、患者や使用者に診断の根拠を提示することが求められるため、診断根拠を示すことを可能とするシステムを提案する。そのために、まず汎用的に使用可能な特徴量を有しているとされている VGG-19[12]の学習済みモデルを転移学習することで、高い識別能を目指した。その後、識別結果に至る寄与を入力空間で可視化できる手法の一つである Grad-CAM[13]を用いて、葉のどこの領域が診断結果に寄与したかの診断根拠の可視化することで、使用者に対して診断根拠の提示を可能とした。本研究では、解析対象にキュウリを選び、主要なウイルス病7種および、糸状菌病の一種であるべと病に感染した葉と健全葉を用いた。実環境に近い状態での識別能を検証すると共に、識別根拠の妥当性評価については、ウイルス病の病変部位の評価は、専門家より目視による妥当性の判断が難しいとの判断により、本実験ではべと病のみを対象とした。また、この結果を解析して確認したところ診断対象となる葉領域以外の特徴を捉えて識別している例が散見された。このことから、システムの学習時に背景情報も同時に学習してしまっていたことが推察された。高精度かつ頑健なシステム構築には、画像中の葉領域のみに着目して診断するシステムの構築が必要であると考えられる。そこで本研究では、いくつかの画像処理技術を組み合わせて葉領域以外を除去し、その画像を用いて診断システムの構築を行った。

2. 方法

(1) データセットの構築

本実験では、埼玉県農業技術研究センターから提供されたキュウリ葉の画像を用いて二つのデータセットの構築を行った。データセットに含まれる画像は、一般的なデジタルカメラで撮影された、ほぼ中央領域に葉が一枚写っているものを使用した。一つ目のデータセットは、キュウリのウイルス(MYSV: melon yellow spot virus, ZYMV: zucchini yellow mosaic virus, CCYV: cucurbit chlorotic yellows virus, CMV: cucumber mosaic virus, PRSV: papaya ring spot virus, WMV: watermelon mosaic virus and KGMMV: kyuri (=cucumber) green mottle mosaic virus)と糸状菌病の一種である Downy Mildew に単一感染した葉と健全葉の画像各 1,000 枚計 9,000 枚の画像から構成される(データセット A)。ここでデータセット A に含まれる画像の一例を Fig.1 に示す。

さらに、識別器の頑健性を評価するためのデータセットを構築した。このデータセットはデータセット A の画像

とは別の圃場で撮影された MYSV 感染葉 106 枚, ZYMV 感染葉 138 枚, CCYV 感染葉 3 枚, Downy Mildew 感染葉 5 枚, 健全葉 36 枚の計 288 枚の画像から構成される(データセット B)。Fig.2 にデータセット B に含まれる画像の一例を示す。

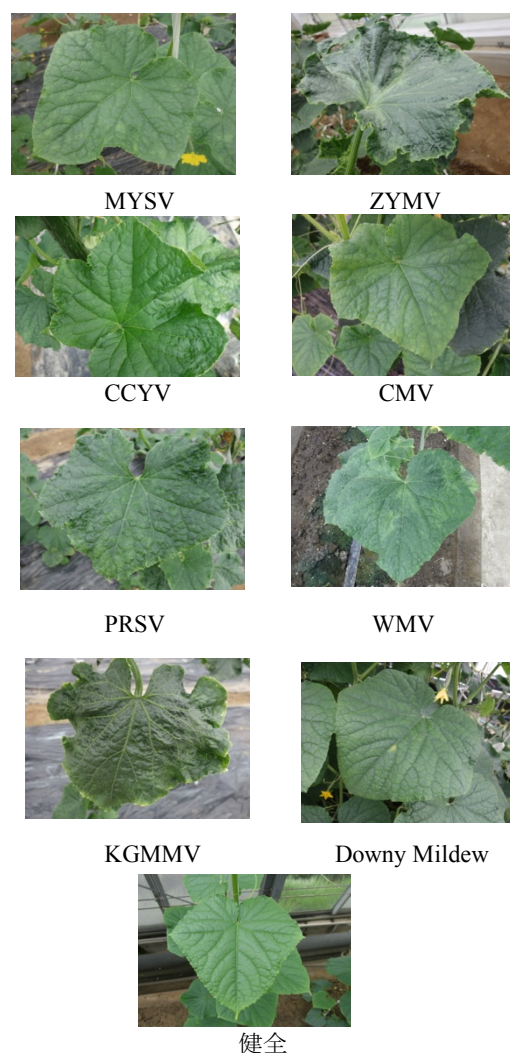


Fig.1 データセット A に含まれる画像



Fig.2 データセット B に含まれる画像

(2) 前処理

先述したデータセット A をもとに、前処理の異なる二つのデータセットを新たに構築した。まず二つのデータセットに共通した処理から述べる。データセットには、異なるアスペクト比、サイズの画像が混在したため、全ての画像を短辺に合わせ 1:1 になるようにトリミング処理した。また、先行研究[14]にて学習画像に回転画像を追加し、擬似的に画像を増加させることで識別制度の向

上が確認されたため、本研究でも同様の処理を行った。先行研究では 10 度刻み 360 度回転した後、一律の大きさにトリミングした画像を加えていたが、予備実験を行った結果、各学習画像に対して 20° 刻み 360° 回転処理を行った後、それぞれはみ出し領域が発生しない最大領域をトリミングすることで同程度の識別制度が担保されることが確認できた。そのため、今回は各学習画像に対して 20° 刻み 360° 回転処理を行った後、それぞれはみ出し領域が発生しない最大領域をトリミングした画像を使用した。加えて、先行研究[14]にて反転画像を追加することで同様に精度向上が確認できたため本実験でも同様の処理をした。その後、全ての画像を 224 × 224 pixels にリサイズした。本実験では、このデータセットをデータセット A-1 とした。また、全ての画像を短辺に合わせ 1:1 になるようにトリミング処理したのち、輪郭抽出手法である snake [15]や、色相の値をもとに閾値処理を行いモルフォロジー処理により得られた背景候補領域の画素値を 0 に置き換える処理（背景候補領域の除去）をした画像群をデータセット A-2 とした。データセット A-1 を構築する際のフローを Fig.3 に示す。また、背景候補領域の除去のフローを Fig.4 にそれぞれ示す。

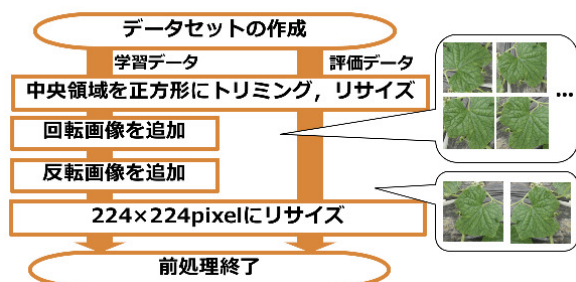


Fig.3 データセット A-1 前処理のフロー

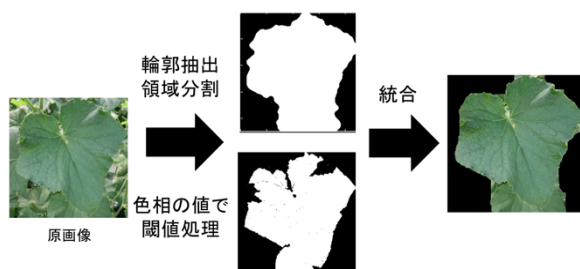


Fig.4 背景候補領域の除去のフロー

(3) 識別器の構成

CNNs を用いた識別では、ImageNet などの大規模な学習データを VGG-net[12]や Resnet[16]などの大規模ネットワークで pre-trained したモデルを、特徴識別器として利用することで、多くの応用問題において scratch で識別器を構築するよりも、より高い精度を実現することが報告されている。これは大規模ネットワークが画像認識問題における普遍的な局所特徴量群を獲得しているからで

あると考えられる。植物病の自動診断においても、pre-trained network の効果は報告されており[6,7], 学習時間の削減などを含めて大変魅力的な選択肢である。

本研究でも、2014 年に simonyan らが提案した学習済みモデルである VGG-19 の畳み込み層の重みを固定し、全結合のみを再学習した。

(4) 実験詳細

まず、データセット A-1 を用いて VGG-19 の畳み込み層の重みを固定し、全結合のみを再学習する（提案手法）ことで構築した識別器の診断精度を 10-fold cross validation のもとで評価した。また、提案手法との精度比較のため、従来手法の識別器構成で、重みの初期値を平均 0 標準偏差 1 の正規分布にしたがう乱数に設定し学習した識別器も合わせて構築した。なお、VGG-19 のモデル構成で、みの初期値を平均 0 標準偏差 1 の正規分布にしたがう乱数に設定し学習した結果、パラメータを学習しても精度が不十分であったことから先行研究の識別器構成のモデルと比較した。

その後、スポットに病徴が現れる Downy Mildew の画像に対して浅い層で得られた識別根拠となる箇所の heat-map を Grad-CAM を用いて作成し、視覚的に評価をした。その後、定量的な評価のため CNNs が Downy Mildew であると判断している根拠となる箇所に対して学習画像の平均画像の値に置き換える処理（マスク処理）を行い、処理後の画像の診断結果がどのように変化するかの挙動を、マスクする領域の広さの閾値を変化させながら確認した。なお本実験において、ウイルス病の病変部位の評価は、専門家より目視による妥当性の判断が難しいとの判断により、本実験では Downy Mildew のみを対象とした。

加えて、データセット A-2 を用いて提案手法と従来手法の精度比較を 10-fold cross validation のもとで行った。

最後に、データセット A-1 とデータセット A-2 を用いて構築した識別器でそれぞれデータセット B の画像を用いて評価し、精度を比較することで別の環境で撮影された画像に対する頑健性を確認した。

3. 結果

まず、データセット A-1 により構築した識別器の精度を Table 1 に示す。

次に、べと病の画像とその heat-map、heat-map の中で強い値を示している領域を学習画像の平均画素値で置換した画像をまとめて Fig.4 に示す。なお、各層での heat-map を確認した結果、入力に近い畳み込み層での heat-map が解析に向いていると考えられたため、VGG-19 の 4 つ目の畳み込み層で得られた heat-map を使用した。

Table 1 識別器の精度(データセット A-1)

評価指標	従来手法[%]	提案手法[%]
正解率	86.6	93.6
感度 MYSV	86.3	94.3
感度 ZYMV	86.4	92.2
感度 CCYV	93.0	96.2
感度 CMV	86.0	93.5
感度 PRSV	82.3	91.7
感度 WMV	79.0	90.8
感度 KGMMV	81.7	90.1
感度 ベと病	98.0	99.6
特異度	86.7	94.5

次に, Fig.5 に Downy Mildew 感染葉の画像とその heat-map, heat-map の中で強い値を示している領域を学習画像の平均画素値で置換した画像(マスク画像)をまとめて示す.

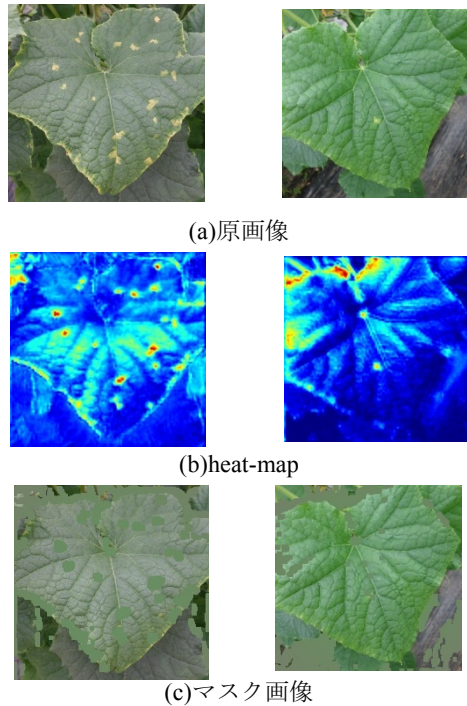


Fig. 5 (a) 原画像, (b)heat-map, (c)マスク画像

また, Fig.5(c)で示したようなマスクをかける閾値を heat-map の値の平均 $+x\sigma$ とし, x を変化させ作成したマスク画像を識別器に入力した時の平均識別結果の推移を Fig.6 に示す. なお, 構築した識別器では, 学習画像の平均画像は健全葉と診断された.

次に, データセット A-2 により構築した識別器の精度を Table 2 に示す.

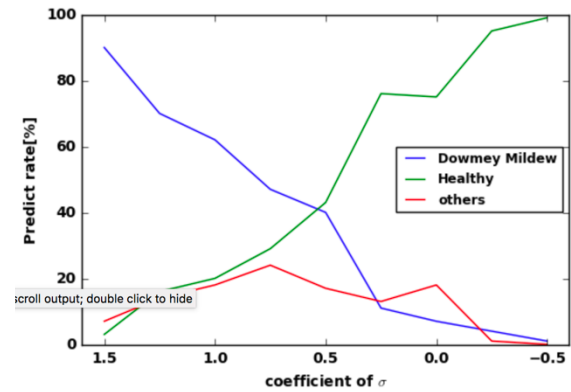


Fig. 6 マスク領域を変化させ作成したマスク画像を識別器に入力した時の平均識別結果の推移

Table 2 識別器の精度(データセット A-2)

評価指標	従来手法[%]	提案手法[%]
正解率	80.0	92.1
感度 MYSV	80.4	93.1
感度 ZYMV	81.6	87.8
感度 CCYV	88.0	96.6
感度 CMV	76.4	90.7
感度 PRSV	69.0	89.2
感度 WMV	75.0	91.5
感度 KGMMV	74.6	88.7
感度 Downy Mildew	79.0	99.0
特異度	95.8	92.5

最後に, データセット A-1 で構築した識別器とデータセット A-2 で構築した識別器をデータセット B により評価した結果を比較したものを Table 3 に示す.

Table 3 識別器の精度(データセット B)

評価指標	従来手法[%]	提案手法[%]
正解率	41.5	50.8
感度 MYSV	17.0	27.4
感度 ZYMV	54.3	55.8
感度 CCYV	33.3	66.6
感度 Downy Mildew	100	100
特異度	22.9	50.0

4. 考察

Table 1 から, 全ての評価項目において提案手法は従来手法を上回っていることが確認でき, かつ各識別対象に対して 90%を超えていることがわかる. このことより, 従来手法の識別器のパラメータを full-scratch で学習する方法と比較して転移学習を用いて学習する手法のほうが効率的かつに学習ができることが示唆された. さらに,

Grad-CAM により識別器の診断根拠となる箇所を低層の情報をを用いてヒートマップにした結果から、一部背景領域に強く反応している画像もあるが、識別時に葉領域に着目して診断している画像があることが確認できた。また Downy Mildew である可能性の高い箇所を、順次平均画像に置き換えた画像 (Fig.5(c)) 群を診断した結果、Fig.6 のように識別器が健全と診断する確率が高まることが定量的にも確認出来た。この結果から、我々の識別器は病気の特徴を捉えた上で、高い識別精度を達成していると考えられる。

Table 2 から、背景領域にマスク処理を施した画像により構築した識別器の精度は Table 1 と比較して数パーセント程度減少したことが確認されたものの、高い正解率を達成している。データセットの原画像が撮影された農場数が限られたものであったため、データセット A-1 で構築した識別器は背景情報を学習してしまっていた可能性がある。マスク処理をした画像群を用いて学習した識別器では、背景情報に依存せずに葉の特徴に着目して分類を行ったため交差検定での精度が減少したと考えられる。また Table 3 から、異なる圃場で撮影された画像に対してはデータセット A-1 で構築した識別器よりも、データセット A-2 で構築した識別器の方が、精度が高いことが確認できる。このことから、データセット A-1 で構築した識別器は背景情報を学習していることが示唆され、実用性の面ではデータセット A-2 で構築した識別器の方が優れていると考えられる。

なお、今回用いたデータセットの原画像は背景が黒いビニールや土壌の画像が多く含まれていたが、背景領域に葉領域と近い色のビニールや別の病害の葉などが識別対象の近傍にある場合、正しく領域分割できる保証がないため、実用化を想定したシステム構築の際には今後検討の余地がある。

5. 結論

本研究では、実際の農場での利用を視野に入れ、高精度かつ高頑健性な植物病害自動診断システムの実現を目指し転移学習手法を用いて識別器を構築した。転移学習を用いることで従来システムと比較して高精度な診断を実現し、サンプルの限られたデータセットに対しても高い精度が達成可能であることを示した。加えて本研究では、特定の診断に対して識別根拠となる箇所を可視化し、識別器が診断の際特徴をある程度捉えていることが定性的および定量的に示唆された。

謝辞：本研究にあたり、全般にわたるご指導並びにデータセットの提供をしてくださった彌富仁准教授。および埼玉県農業技術研究センターの宇賀博之様、生命科学部准教授の鍵和田聡様、彌富研究室の皆様深く御礼申し上げます。

参考文献

- 1) “2014 Georgia Plant Disease Loss Estimates,” <http://extension.uga.edu/publications/detail.cfm?number=AP102-7>, Viewed on Feb. 7 2018.
- 2) K. Ohshima. “Plant potyvirus evolution: the survey of the genetic structure of populations,” *Uirusu*, Vol. 62, No. 2, pp. 151-160, 2012.
- 3) Q. Yao et al., “Application of Support Vector Machine for Detecting Rice Diseases using Shape and Color Texture Features,” *Proc. Engineering and Computation*, pp. 79-83, 2009.
- 4) J. D. Pujari et al., “Recognition and Classification of Produce Affected by Identically, Looking Powdery Mildew Disease,” *Acta Technologica Agriculturae*, Vol.17, Issue 2, pp. 29-34, 2014.
- 5) E. Mwebaze and O. G. Owomugisha, “Machine Learning for Plant Disease Incidence and Severity Measurements from Leaf Images,” In *proc. International Conference on Machine Learning and Application*, pp. 158-163, 2016.
- 6) S. P. Mohanty et al., “Using Deep Learning for Image-Based Plant Disease Detection,” *Frontiers in Plant Science*, Vol. 7, No.1419, 2016.
- 7) J. Lu et al., “An In-field Automatic Wheat Disease Diagnosis System,” *Computers and Electronics in Agriculture*, pp.369-379, 2017.
- 8) A. Fuentes et al., “A Robust Deep-Learning-Based Detector for Real-Time Tomato Plant Diseases and Pests Recognition,” *Sensors*, Vol.17, No.9, 2017.
- 9) D. P. Hughes and M. Salathe, “An Open Access Repository of Images on Plant Health to Enable the Development of Mobile Disease Diagnostics,” *CoRR*, abs/1511.08060, 2015.
- 10) L. J. Shelhamer et al. “Fully convolutional networks for semantic segmentation,” *Proc. International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 3431-3440, 2015.
- 11) S. Ren et al., “Faster R-CNN: Towards Real-Time Object Detection with Region Proposal Networks,” *CoRR*, abs/1506.01497, 2015.
- 12) K. Simonyan and A. Zisserman, “Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition,” *CoRR*, abs/1409.1556, 2014.
- 13) R. R. Selvaraju et al., “Grad-CAM: Visual Explanations From Deep Networks via Gradient-Based Localization,” *CoRR*, abs/1610.02391, 2017.
- 14) E. Fujita et al., “Basic Investigation on a Robust and Practical Plant Diagnostic System,” *Proc. International Conference on Machine Learning and Application*, pp. 989-992, 2016.
- 15) M. Kass, A. Witkin and D. Terzopoulos, “Snakes: Active

Contour Models,” Proc. *IJCV*, Vol. 1, No. 3, pp. 321-331, 1988.

- 16) K. He et al., “Deep Residual Learning for Imagenet Recognition,” Proc. *International Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 770-778, 2016.